

Figure 1

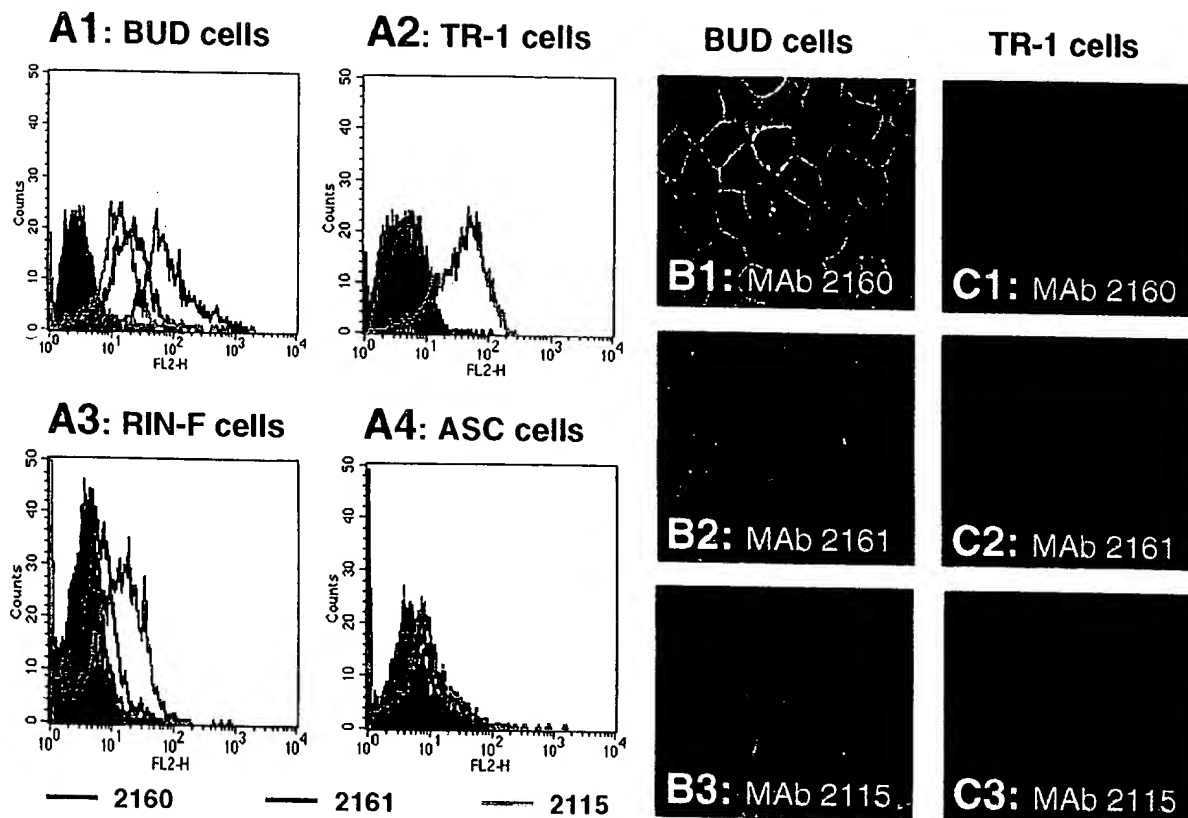


Figure 2

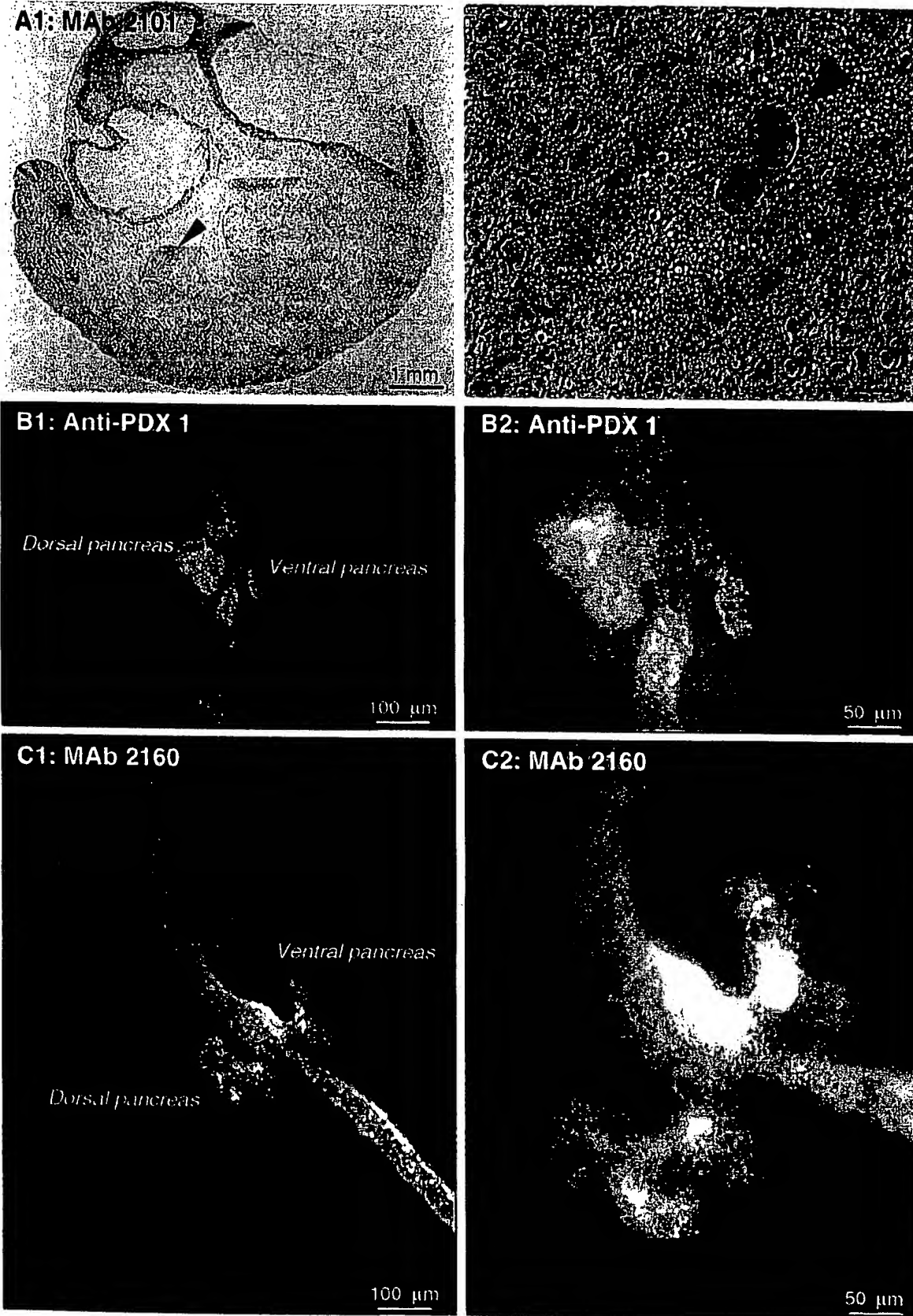


Figure 3

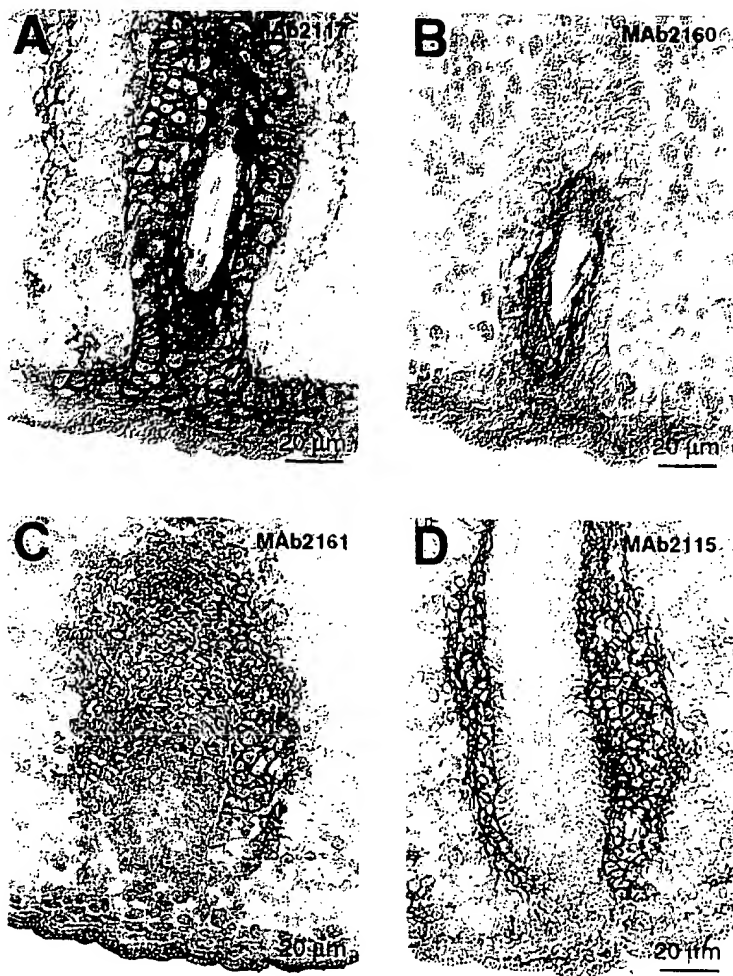


Figure 4

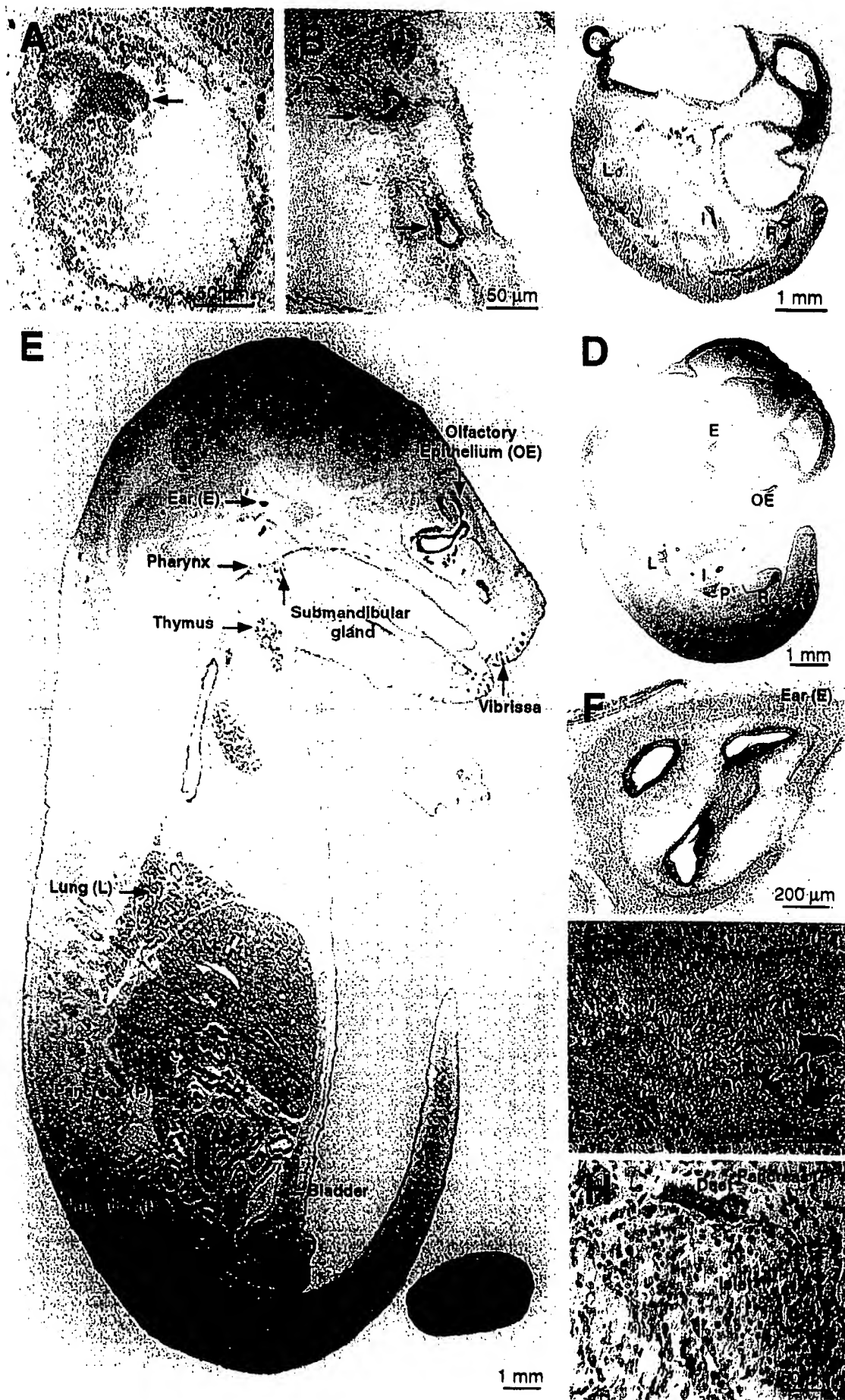
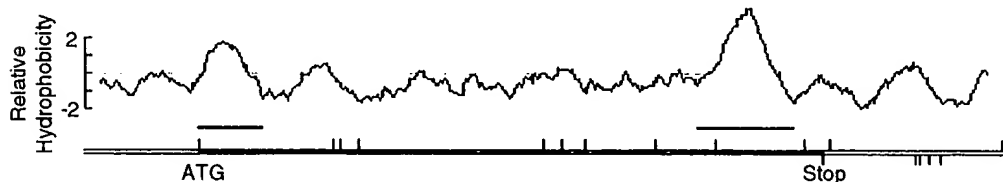


Figure 5

A

CTCTAGAGATCCCTCGACCTCGACCCACGCGTC 35
CGGCGCAGAGCGCTCAGTGGTGGCGCGCGTGCAGCGGAGTGTCTGGAGCGGTCCCGCGCTCAGACCCGCGAGTCCCGCGCTCCGCGCGCAGT 135
ATGCGCGCCCGCAAGGCCCTCGGCTTCCGGCTCTGCTCGCGGTGTCACGGCGAGCTGGCGCGAGCTCAGAAAGACTGTGTCTGTAACTCAAGC 235
1 M A P P K A L A F G L L L A V V T A T L A A A Q K D C V C N N Y K L
TGACGTCAAGGTGCTATGAGAATGAGAATGGTGAATGCCAGTGTACTTCTATGGGACACAAATACTGTCTATTGCTCCAACTGGCATCCAGTGCCT 335
35 T S R C Y E N E N G E C Q C T S Y G T Q N T V I C S K L A S K C L
GGTGATGAAGCGGAGATGACTCAGCAAGTCTGGGAGGAGGATGAACCCGAGGGGGGATCCAGAACAACGACGGTCTGTATGATCCGAGTGTGAC 435
68 V M K A E M T H S K S G R R M K P E G A I Q N N D G L Y D P E C D
GAGCAAGGGCTCTTCAAAGCCAAGCACTGCAACGGGACCGCCACGTGCTGGTGCCTGAACACCGGGGTCTCGGAGAACCAGCAAGGACACGGAGATCA 535
101 E Q G L F K A K Q C N G T A T C N C V N T A G V R R T D K D T E I T
CTGCTCCGAGAGAGTGGAGCTACTGGATCATCTAGCTCAAAACACAAAGAGCACAGCCTTATACTTCGAGAGTTTGCATCTGCATCTCA 635
135 C S E R V R T Y W I I I E L K H K E R A Q P Y N F E S L H T A L Q
GGACATATTGCATCTCGATACATGCTGAATCCGAAATTTATCAAAGTATTATGTATGAGAATATGTTATCACTATTGATTGATCGAAATCTTCT 735
168 D T F R A Y E N E N G E C Q C T S Y G T Q N T V I C S K L A S K C L
CAGAAGACTCAAGATGATGTGACATAGCTGATGTGGCTTACTATTTTGAAGAGATGTAAGGGGGAGTCTTGTTCATTCATCAAGAGCATGGACC 835
201 Q K T Q D D V D I A D V A Y Y F E K D V K G E S L F H S S K S M D L
TGAGGTGAACGGGAGCTCCTCGATCTGGACCCCGGCGAGCTGTGATTACTACGTGATGAAAGGGCCCGGAGTTTCCATGACGGGCTCAGCG 935
234 R V N G E L L D L D P G Q T L I Y Y V D E K A P E F S M Q G L T A
TGGATCATCGCGCTCATTGCTGGTGGTGTAGAGTCACTGGGGGATGCTTCTCTGTTATATCTACAAGGAAGAGATCAGCAAAATATGAGAAG 1035
267 G T I A V I V V V V L A V I A G I V V L V I S T R K R S A K Y E K
GCTGAGATAAAGGAGATGGGTGAGATACACAGAGCTCAATGCTAACCAACCATGCCGTGTGCTGACATGAGGAGGAGCCACCGGAGAAATGGCG 1135
300 A E I K E H G E I H R E L N A
AAGAATCAGGTGCAAAACGATAGACCTGGGAGGATGGAGACCTTTCGAGGGTCACTGCTTTTGTAGCTAAGCTCACACATTTGTAACAGTGAATTT 1235
GTACTCATAAATACAAGCAGCTTGACATTGGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGG 1293

B



C

Ag2160 1 -----MAPPKA-LAFGLLLAVVTATLAAQKDCVCNNYKLT SRCYENENGECCQCTSYGTQNTVICSKLASKCLVM
mEGP -----MAGPOA-LAFGLLLAVVTATLAAQKDCVCNDNYKLATSCSLNEYGECCQCTSYGTQNTVICSKLASKCLAM
hEGP-2 -----MAPPOV-LAFGLLLAAATATFAAAQECCENYKLVNCFVNNRQCCQCTSVGAQNTVICSKLAARKCLVM
hEGP-1 MARGPGLAPPPLRLPLLLLVLAATVGHATAQDNCTCPTNKMTVCSPDGPGRGQCRALGSGMAVDCSTLTSKCLLL
100
KAEMTHSKSGRR-MKP-EGAIONNDGLYDPECDEQGLFKAKQCNCTATCWCNTAGVRRTDK-DTEITC SERVRTY
KAEMTHSKSGRR-IPK-EG-IONNDGLYDPECDEQGLFKAKQCNCTATCWCNTAGVRRTDK-DTEITC SERVRTY
KAEMNGSKLGR-APK-EGALONNDGLYDPECDEQGLFKAKQCNCTATCWCNTAGVRRTDK-DTEITC SERVRTY
KARMSAPKNARTLVRPSEHALVDNDGLYDPECDEQGLFKAKQCNCTATCWCNTAGVRRTDK-DTEITC SERVRTY
200
WIIELKHKERAQPYNFESLHTALQDTFASRYMLNPKFKISIMYENNVITIDLMQNSSQKTQDDVDIADVAYYFEK
WIIELKHKEREPSYDHSQSLQALQEFTSRYKLQKFKINIMYENNVITIDLMQNSSQKTQDDVDIADVAYYFEK
WIIELKHKEREKPYDSKSLRTALQKEITTRYQLDPKFKITSILYENNVITIDLVQNSSQKTQDDVDIADVAYYFEK
HILIDLHRPTAGAFNHSDLDALRRLFRERYRLHPKFVAHVHYEQPTIQIELRQNTSQKAAGEVDIGDAAYYFER
300
DVKGESLFHSSKSMDLRVNGELLDLPQOTLIYYVDEKAPEFSMQGLTAGI IAVIVVVVLAVIAGIVVLVISTRKR
DVKGESLFHSSKSMDLRVNGEPLDLPQOTLIYYVDEKAPEFSMQGLTAGI IAVIVVVVLAVIAGIVVLVISTRKR
DVKGESLFHSSKSMDLRVNGEPLDLPQOTLIYYVDEKAPEFSMQGLTAGI IAVIVVVVLAVIAGIVVLVISTRKR
DIKGESLFQGRGGLDLRVNGEPLQVE--RTLIYYLDEIPKFKSMKRLTAGI IAVIVVVVLAVIAGIVVLVISTRKR
325
SAKYEKAEIKEMGEIHRELNA
SAKYEKAEIKEMGEIHRELNA
MAKYEKAEIKEMGEIHRELNA
SPKYKVEIKELGELRKEPSL

D

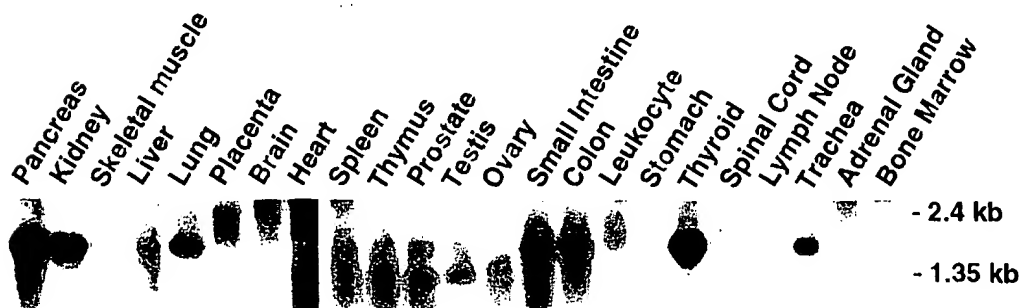
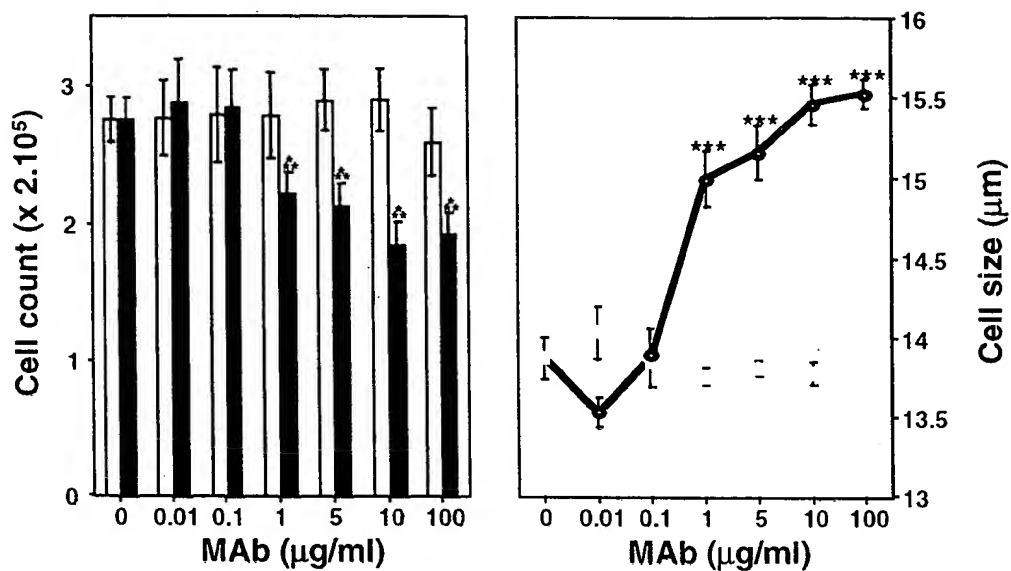
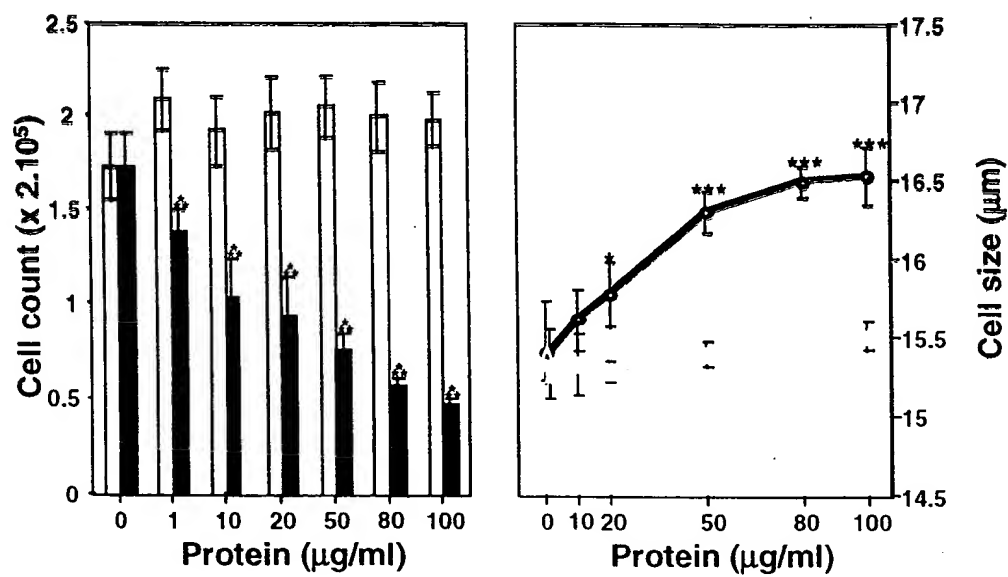


Figure 6

A



B



C

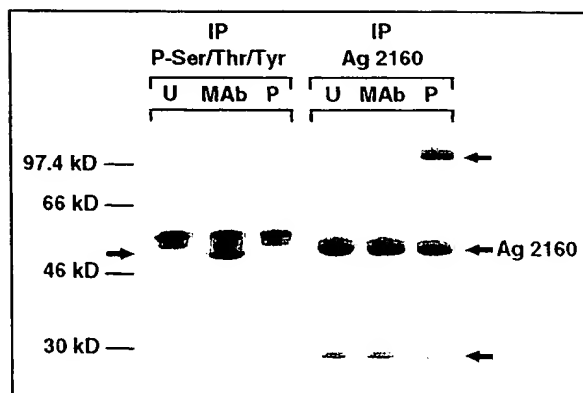


Figure 7

000170" 2344F 560

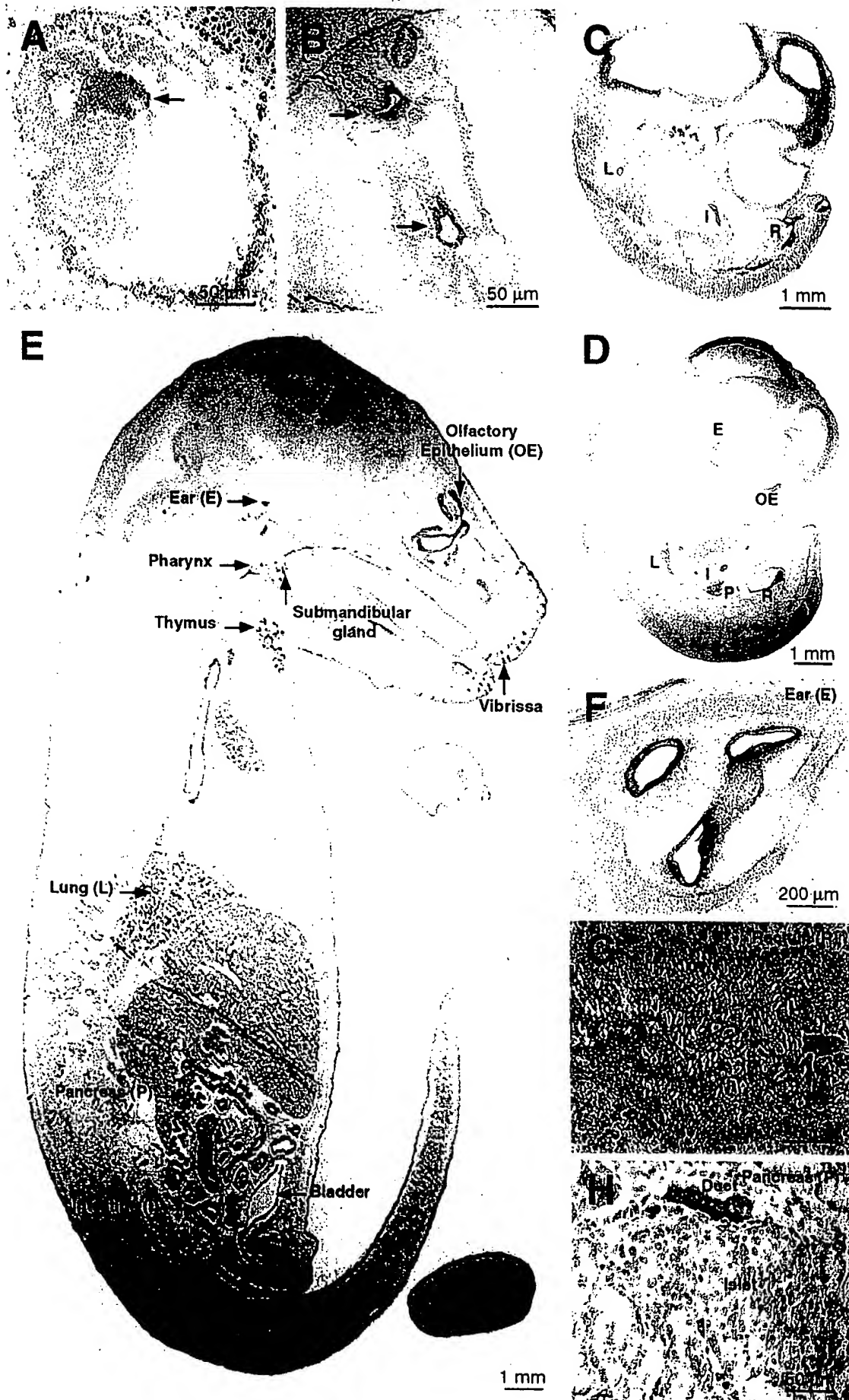


Figure 8

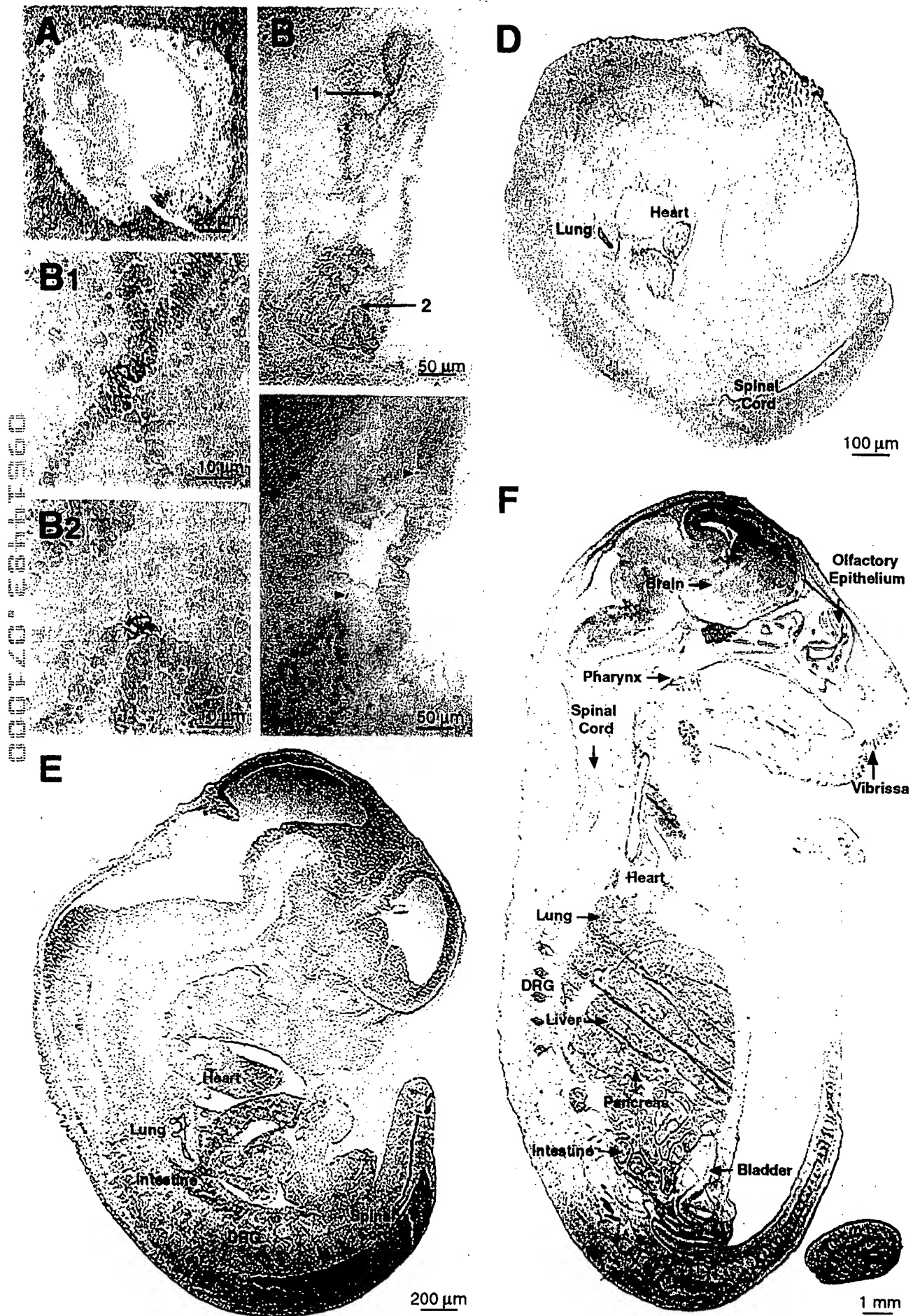


Figure 9

FIGURE 10

CACCTCGGTTCTATCGATTTCGAATTCGGCCACACTGGCCGGATCCTCTAGAGATCCCTC
GACCTCGACCCACGCGTCCGCTTGCTCTTCTTATCCTCTCCTTTGCAAGAAGAGAACTCCTCGGAGACAGCAGCCAAA
AAGAAACCGCGTCTACCTTGACAGACTACTGAAGCGTCTCCTGGAATAAGAGGGTCGCCCGCCTTGGGAGTAGCAGCCAA
AGACGCTGAGGGAGGGTGTGGAGGGGGAGGAGTTGCGGGTTCCGCGTGGAGGAAAGTTGCGTGTGCACAGACCC
GACGGCGCAGCCACAGCGCCCGGGGATCGTGTCTTGGAAAAAAGTCGCTGTCCCTTAAAGCGAGACCCACAA
CGAGCGGGCCCCGTGGCCCGGGGACGACGCCCCCTCTGCGCGTGGACTTGTGCGTGGCCTTCTAGGAGGAGAAAT

1 ATGGCATCTAAAGGGTCCCTTCTTGCGCTCTGGTTTTCTGCCTCTTGATCTCCGCCGGTCTCTAGACAGGCTCGG
M--A--S--K--G--S--P--S--C--R--L--V--F--C--L--L--I--S--A--A--V--L--R--P--G--L--G-- 27
81 ATGGTACACTGTCAACTCAGCATACGAGATACCATTTGTCATGCCCTGCAGACTGGATGTACCTCAGAACCTCATGTTTG
--W--Y--T--V--N--S--A--Y--G--D--T--I--V--M--P--C--R--L--D--V--P--Q--N--L--M--F--G-- 54
161 GCAATGGAATATGAAAAGCTGATGGGTCCCACTATTATTCATTGATCTTCTACAAAGAAAAGTGTGCAGTAT
--K--W--K--Y--E--K--P--D--G--S--P--V--F--I--A--F--R--S--S--T--K--K--S--V--Q--Y-- 81
241 GATGATGTACAGAGTACAAGGACAGACTGAGCCTCTCAGAAAACTACACTCTGTCTATCAACAATGCAAAGATCAGTGA
D--D--V--P--E--Y--K--D--R--L--S--L--S--E--N--Y--T--L--S--I--N--N--A--K--I--S--D-- 108
321 CGAAAAGAGATTTGTGTGATGCTAGTGACCGAGGACAACGTTTGTAGGCACCTACCTGGTCAAGGTGTTCAGCAAC
--E--K--R--F--V--C--M--L--V--T--E--D--N--V--F--E--A--P--T--L--V--K--V--F--K--Q--P-- 135
401 CATCTAAACCTGAAATTTGTAACAGAGACGCGTTTCTTGAACAGAGCAGCTAAAAAAGTTAGGTGACTGCATTTCAAGA
--S--K--P--E--I--V--N--R--A--A--F--L--E--T--E--Q--L--K--K--L--G--D--C--I--S--R-- 162
481 GACAGTTACCCAGACGGCAACATCAGTGGTATAGGAATGGGAAAGTGCTACAGCCTGTTGATGGAGAGGTGTCCATACT
D--S--Y--P--D--G--N--I--T--W--Y--R--N--G--K--V--L--Q--P--V--D--G--E--V--S--I--L-- 189
561 TTTTAAAAGGAAATTTGATCCAGTACTCAGTTGTATACCATGACTTCTCCTTGGAGTACAAGACAACCAAGTCTGACA
--F--K--K--E--I--D--P--G--T--Q--L--Y--T--M--T--S--S--L--E--Y--K--T--T--K--S--D--I-- 216
641 TACAAATGCCATTCACCTGTTCTGTGACATATTTAGGACCTTCGGGCCAGAAAACAATTTATCTGAACAAGCAATCTTT
--Q--M--P--F--T--C--S--V--T--Y--Y--G--P--S--G--Q--K--T--I--Y--S--E--Q--A--I--F-- 243
721 GATATTTACTATCTTACAGAGCAGGTGACAATACAAGTACTGCCACCAAAAAATGCCATCAAAGAAGGGGACAACATCAC
D--I--Y--Y--P--T--E--Q--V--T--I--Q--V--L--P--P--K--N--A--I--K--E--G--D--N--I--T-- 270
801 CCTTCAGTGTCTGGGGAATGGCAACCCACCTCCTGAGGAGTTCATGTTTTACTTTACCAGGGCAGGCTGAAGGCATAAGAA
--L--Q--C--L--G--N--G--N--P--P--P--E--E--F--M--F--Y--L--P--G--Q--A--E--G--I--R--S-- 297
881 GCTCAAACACTTACACTGACAGACGTGAGACGCAATGCCACCGGGGACTACAAATGTTCTCTCATCGACCAAGAAAC
--S--N--T--Y--T--L--T--D--V--R--R--N--A--T--G--D--Y--K--C--S--L--I--D--Q--R--N-- 324
961 ATGGCAGCTTCAACAACCATCACTGTTCACTACTTGGATTATCTCTTAAACCCAAGTGGGAAGTGACCAAGCAGATCGG
M--A--A--S--T--T--I--T--V--H--Y--L--D--L--S--L--N--P--S--G--E--V--T--K--Q--I--G-- 351
1041 TGATACCTCGCTGTGCTTTCACAAATATCTGCAAGTAGGAATGCAACTGTGGTGTGGATGAAGGATAACATCAGGCTCC
--D--T--L--P--V--S--C--T--I--S--A--S--R--N--A--T--V--V--W--M--K--D--N--I--R--L--R-- 378
1121 GATCTAGTCCATCTCTTCTAGTCTTCATTATCAGGATGCTGGGAATATGCTGTGAAACTGCTCTTCAGGAGGTTGAG
--S--S--P--S--F--S--S--L--H--Y--Q--D--A--G--N--Y--V--C--E--T--A--L--Q--E--V--E-- 405
1201 GGACTGAAGAAAAGGGAGTCGCTGACCCCTCATCGTAGAAGGAAAACCTCAAATCAAAATGACAAAGAAAAGTATCCAG
G--L--K--K--R--E--S--L--T--L--I--V--E--G--K--P--Q--I--K--M--T--K--K--T--D--P--S-- 432
1281 TGGACTGTCTAAGACTATAATCTGCCATGTGGAAGGGTTTCCAAGCCAGCTATACAGTGGACCATACCGGCAGTGGAA
--G--L--S--K--T--I--I--C--H--V--E--G--F--P--K--P--A--I--Q--W--T--I--T--G--S--G--S-- 459
1361 GCGTCATAAACCAACAGAGGAGTCTCCTTATATTAATGGCAGGTATTATAGTAAATATCATTTCCCTGAGGAGAAT
--V--I--N--Q--T--E--E--S--P--Y--I--N--G--R--Y--Y--S--K--I--I--I--S--P--E--E--N-- 486
1441 GTTACATTAACCTTGACAGCAGAAAACCAACTGGAGAGAACAGTAAACTCCCTGAATGCTCTGCGATAAGTATTCAGA
V--T--L--T--C--T--A--E--N--Q--L--E--R--T--V--N--S--L--N--V--S--A--I--S--I--P--E-- 513
1521 ACACGATGAGGCAGACGATATAAGTGATGAAAAATAGAGAAAAGGTGAATGACCGGCCAAACTAATTGTGGGCATTGTGG
--H--D--E--A--D--D--I--S--D--E--N--R--E--K--V--N--D--Q--A--K--L--I--V--G--I--V--V-- 540
1601 TTGGTCTCCTCTCGCCGCCCTCGTCGCGGTGTCGTCTACTGGCTGTACATGAAGAAATCGAAAAGTGCATCAAAACAT
--G--L--L--L--A--A--L--V--A--G--V--V--Y--W--L--Y--M--K--K--S--K--T--A--S--K--H-- 567
1681 GCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCGCGCCGCGAC
A--K--K--K--K--K--K--K--K--K--G--G--R--D

FIGURE 11

